

AAAAGAGGATAATTCAAGAAGGGCTTCTTTAAGGGACTATTTCCCAAGATGGGAATGGAGGGGAACCT GCAGGGCTAGTGTCCTACCCTCCAGCAGCAGCAGCTAATTCCTGAGGGGATAAGGACGTGGTTGCGA GGACATGGAGGGAAAGTTCTACAGAGGAGGCACAGTGGGCTTCAGGAACACCCTGCTTGAGAGGCCTG TGAGAGGTGGGGAATCAATACCTGACCTCGCTCTCCTTCCATCTCCCCAACCCACAGGGGTTGGTG TGGGCCCCACAGGCGAGCCTCCCGGGGAGAGAAGTGGAGAGAGGACCTGGAGGGCCAGTAGAAGGTAT GCACACAAGTATCTACAAGGCACCAGGCATTTTTTGAGCATTTGGGATTTGTCAGCAAACAAGTCAGA TTGCTAAGA**ATG**GCAATCCTGACGCTCAGCCTTCAACTCATCTTGTTATTAATACCATCAATATCCCA TGAGGCTCATAAAACGAGTCTTTCTTCTTGGAAACATGACCAAGATTGGGCAAACGTCTCCAACATGA CTTTCAGCAACGGAAAACTAAGAGTCAAAGGCATTTATTACCGGAATGCCGACATTTGCTCTCGACAT $\tt CGCGTAACCTCAGCAGGCCTAACTCTGCAGGACCTTCAGCTATGGTGTAATTTGAGAATCATTCAC\textbf{TG}$ AGCATCAACTATGTAACCAGCATTGGGTTGGGTGCCAGAGATCCAAAGCTAAGACACCAAAACCTGCT GGAGTGGGTGCTGGGCTGAGGAACCAGAGGTAATGGCCCTGGGGACGCCCGGGAAGAGATGAGTTTTG AGGCAAAGGGATTTGCATTTGTGGATGAACTTGTGTGTTCAGCTGAAGGCTGAAGTTGTAACTCTGAA CCACAGGACAAAGCATGATGTGATGTCTTCCTCACTAAATGGCAATGTCCTTGAGAAGACCCTGTCTT AATCATCTCTGTGTCTCACGCCTGGCTCATAACATATGCTTATCGCATGCTTTTAATAAAAGGAGGAA **AATGC**

FIG._1A

AAAAAATACAGCAGGTGAAGGAGGTTGGAGAGTAGGGGGTGGAGGGCCCACGCAGCACTTGTCCTTCA CCCTGGAGGGGATCTGTTACATGCCCCAGATTGCTGGTCCCCTAGAAATGTTACTGAGGCAGCCTCTG CATTTTTGCAGGGATTGTTTTCTACTGTTTGACATTCACGTAACCTCCTAACGCTGTCTGGGGAAGAT CAGGAGAGCCCGAGGGGGGACACTGAAGGTGTATCGTTGGCCCTGCCAGCTGCAAGTGAACTGCTTCT GATGAATTTTAATAGGGAGAAAGAAGTATTTGCTAAGA**ATG**GCAATCCTGACGCTCAGCCTTCAACTC CCAAGATTGGGCAAACGTCTCCAACATGACTTTCAGCAACGGAAAACTAAGAGTCAAAGGCATTTATT ACCGGAATGCCGACATTTGCTCTCGACATCGCGTAACCTCAGCAGGCCTAACTCTGCAGGACCTTCAG CTATGGTGTAATTTGAGGTCAGTGGCCAGAGGACAGATCCCGTCTACATTA**TGA**GTGAAGCGGAGAGC TACTGCAGGGTTCTGAGCAGAGTCCTAATTTATATTTTAGAAGAATCATCATGGCTCCTAGATTAGGA ATAAAACGAAGGGGCCCAGGGATGGAAACGATGAGTCCAGTTGGGTTACTGCAAAGATCCAGGCCAGA **AATCCAGGCACAGTGGCACACCTGAGTCCCAGATAATTCCACCTACTGGTCCTGCTCTGTGGCCTA** CTGGTCCGAGTCCAGCCCCGACTGATTTCTGGGCCTGTAATGTCTAAAAACGCTCCCTGCTGATGTTT TGCAAGTGACTGTGTTACTTGAAGGCAGTTCCTAGGATAAACTAGTCGCTTTATCATTACAGAATCAT CCTGCTCTCCAGGAAACGAGAGGCTGAGAA

FIG._1C



GGTGGAGCCAAATAAGGGAATGAAAGCAGGCCACCGGAGCCTCGGAGAGGCAACCGTTTGGGGTACTC TTCCACACTGTGGCAGCTTTGTTCTTTTGCTCTTTTGCAGTAAGTTTTGCTGTTGCTTACTCTTTTGGGT CTGCACTGCCTTTATGAACTGTAACACTGACCATGGAGGTCTGCAGCTTCACTCCTCAAGCCAGCAAG ACCAGGAGCCCACTGGGAGGAGGAATGAACAACTCTGGACACGCCACCCTTAAGAGCTGTAACACTCA GGACACATCTGAACATCTGAGGGAACTCCGCACACCACCATCTTTAAGAACTGTAACACTCACCACGAG GGCCCGTGGCTTCATTCTTGAAGTCAGCAAGACCAAGAACCCACCAATTCTGGACACAACAGGACACA CACATGGGAGGGGAGGCCAGAGGGAAACCTAGCTGGCTTGGGGTGGGAATTTGAATCCCTGAGCCCA TTACAAGAAAATGTTTGAAGTTCTCATCCACAGAATCACTTAGCTTCTTGCTTTTTACAAGTGGTTGA TTAGGAGTATTCAATACAGATTTTGTGTATCACTATAAACAGTTCACAGCATGGACTACTGGTGTTCT CTTTACTAACTGAAATGGTGTCATTAGCACCTTTAAATCTAATCCATTTAGAGAGCCAGTTCCGGAAA CCTCAGAACCAGTTTGGAAAACTTCCGTTCTTCTGAAGCCATTTTTTGGAACCACATCTGTGCTAGGTT CTCCAGGGAACCAGACCAATATGTTTTATTTACTATGGGGACTGGCTCATATGATTCTGGAGGCCTA GAAGTCCCTCCCTCTCAAGATGTGCTGTCAGCAAGCTGCAGAACCAGGAAAGCTGGTGGTGTCAGAGT CTGAAGGCCTGAGAACTGGGTGGGGAGTGGGACAGACTAAGGGGCCTTTAGTCTCTGGGTTGGTGTGG TCCCCACAGGTGAGCCTTTCGTGGAGAGGGTGGAGAGGGGATCTGGAAGGGCCAATAGAAGATACTC TTGACCACTGTATCAACCAGGATTGTGACACAAAAACAGATGGCACACTCAAAAGAGGATAATTCAAG AAGGGCTTCTTTAAGGGACTATTTCCCAAGATGGGAATGGAGGGGAACCTGCAGGGCTAGTGTCCTAC CCTCCAGCAGCAGCAGCTAATTCCTGAGGGGATAAGGACGTGGTTGCGAGGACATGGAGGGAAAGTT CTACAGAGGAGGCACAGTGGGCTTCAGGAACACCCTGCTTGAGAGGCCTGTGAGAGGGATTGTTTTCT ACTGTTTGACATTCACGTAACCTCCTAACGCTGTCTGGGGAAGATGCTACCCCCTGCTCTCCCCGTCT TTCCTGCACTCTCAGCAATGGGATGGGCTGACTGATGCCCTGTGGGCTGGAAAGCTGACCACAGTTGC TGCAGACCAGACCCCTCACATAGTGAGTGCTGGGCTGAGGAATCCAGGAGAGCCCGAGGGGGGACAC TGAAGGTGTATCGTTGGCCCTGCCAGCTGCAAGTGAACTGCTTCTGATGAATTTTAATAGGGAGAAAG ${\tt AAGTATTTGCTAAGA} {\tt ATG} {\tt GCAATCCTGATGCTCAGCCTTCAACTCATCTTGTTATTAATACCATCAACTCAACTCATCTTGTTATTAATACCATCAACTCAACTCATCTTGTTATTAATACCATCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCAACTCA$ ATCCCATGAGGCTCATAAAACGAGTCTTTCTTCTTGGAAACATGACCAAGATTGGGCAAACGTCTCCA ACATGACTTTCAGCAACGGAAAACTAAGAGTCAAAGGCATTTATTACCGGAATGCCGACATTTGCTCT CGACATCGCGTAACCTCAGCAGGCCTAACTCTGCAGGACCTTCAGCTATGGTGTAATTTGAGGTCAGT GGCCAGAGGACAGATCCCGTCTACATTATGAGTGAAGCGGAGAGCTACTGCAGGGTTCTGAGCAGAGT CCTAATTTATATTTTAGAAGAATCATCATGGCTCCTAGATTAGGAATAAAACGAAGGGGCCCAGGGAT GGAAACGATGAGTCCAGTTGGGTTACTGCAAAGATCCAGGCCAGAAATCCAGGCACAGTGGCACACAC CTGAGTCCCAGATAATTCCACCTACTGGTCCTGCTCTGTGGCCTACTGGTCCGAGTCCAGCCCCGACT GATTTCTGGGCCTGTAATGTCTAAAAACGCTCCCTGCTGATGTTTTGCAAGTGACTGTGTTACTTGAA GGCAGTTCCTAGGATAAACTAGTCGCTTTATC

FIG._1B



MAILTLSLQLILLIPSISHEAHKTSLSSWKHDQDWANVSNMTFSNGKLRVKGIYYRNAD ICSRHRVTSAGLTLQDLQLWCNLRIIH

Domain Information

Signal peptide:

1-19

N-glycosylation site.

38-42

41-45

FIG._2A

MAILMLSLQLILLIPSISHEAHKTSLSSWKHDQDWANVSNMTFSNGKLRVKGIYYRNAD ICSRHRVTSAGLTLQDLQLWCNLRSVARGQIPST

Domain Information

Signal peptide:

1-19

N-glycosylation site.

38-42

41-45

N-myristoylation site.

89-95

FIG._2B

MAILTLSLQLILLIPSISHEAHKTSLSSWKHDQDWANVSNMTFSNGKLRVKGIYYRNAD ICSRHRVTSAGLTLQDLQLWCNLRSVARGQIPSTL

Domain Information

Signal peptide:

1-19

N-glycosylation sites

38-42

41-45

N-myristoylation sites

89-95

FIG._2C

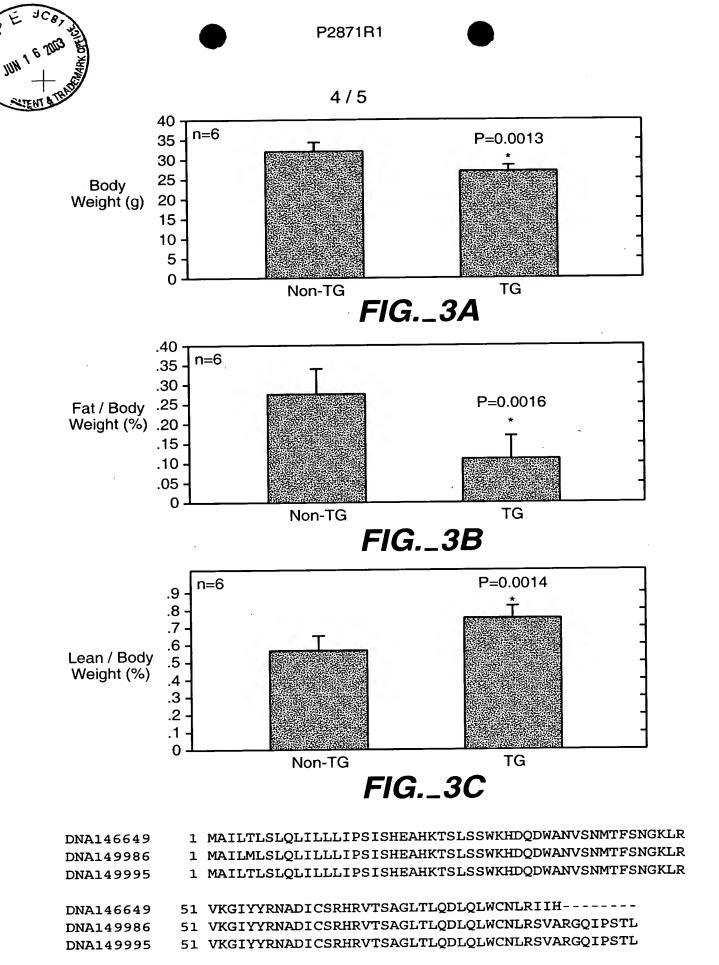


FIG._4



